```
# /seqprg/bin/fasta34_t -q -w 80 -m 6 -z 3 -Z 10000 -f -12 -g -4 -r +5/-4 @ /tmp/FA_
FASTA searches a protein or DNA sequence data bank
 version 3.4t26 July 7, 2006
Please cite:
W.R. Pearson & D.J. Lipman PNAS (1988) 85:2444-2448
```

Query library @ vs /tmp/FA_WWW_Y37ndo library searching /tmp/FA_WWW_Y37ndo library

```
 1>>>QUERY 1254 nt - 1254 nt
vs  /tmp/FA_WWW_Y37ndo library

   4426 residues in       1 sequences
Altschul/Gish params: n0: 1254 Lambda: 0.192 K: 0.177 H: 0.360

FASTA (3.49 May 2006) function [optimized, +5/-4 matrix (5:-4)] ktup: 6
 join: 60, opt: 45, open/ext: -12/-4, width:  16
 Scan time:  0.010
```

```
The best scores are:                                                  opt bi
QUERY                                               (4426) [f] 4546 1
QUERY                                               (4426) [r]  223 6
```

>>>QUERY, 1254 nt vs /tmp/FA_WWW_Y37ndo library

```
>>QUERY                                                              (4426
 initn: 4881 init1: 3146 opt: 4546  Z-score: 6743.7  bits: 1261.8 E():     0
banded Smith-Waterman score: 4566;  86.321% identity (86.321% similar) in 1272 nt ov
Entrez Lookup  Re-search database  General re-search
                                          10        20        30
QUERY                                     ATGCTCCCCTGGACGGCGCTCGGCCTGGCCCTGAGCT
                                          :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
QUERY  AGCGAGCGAGTTGCCGAGCGCGCCCCGTCCCTCGCGCGCGATGCTCCCCTGGACGGCGCTCGGCCTGGCCCTGAGCT
       20        30        40        50        60        70        80        90

              50        60        70        80        90       100       110
QUERY  GGCTGGCGCTGGCGCGGGAGCGGCGCGGAGCGCGGTCCACCAGCATCAGCCCCCCGAGGGGACCTGATGTTCCTGCTG
       ::::::::::::::::::::::::::::::: :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
QUERY  GGCTGGCGCTGGCGCGGGAGCGGCGCAGAGCGCGGTCCACCAGCATCAGCCCCCCGAGGGGACCTGATGTTCCTGCTG
       100       110       120       130       140       150       160       170

              130       140       150       160       170       180       190
QUERY  AGCTCAGCCAGCGTCTCTCACTACGAGTTCTCCCGGGTTCGGGAGTTTGTGGGGCAGCTGGTGGCTCCACTGCCCCT
       :::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::::
QUERY  AGCTCAGCCAGCGTCTCTCACTACGAGTTCTCCCGGGTTCGGGAGTTTGTGGGGCAGCTGGTGGCTCCACTGCCCCT
       180       190       200       210       220       230       240       250

              210       220       230       240       250       260       270
QUERY  CACCGGGGGCCCTGCGTGCCAGTCTGGTGCACGTGGGCAGTCGGCCATACACCGAGTTCCCCCTTCGGCCAGCACAGCT
```

```
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   CACCGGGGCCCTGCGTGCCAGTCTGGTGCACGTGGGCAGTCGGCCATACACCGAGTTCCCCTTCGGCCAGCACAGCT
        260       270       280       290       300       310       320       330


              290       300       310       320       330       340       350
QUERY   GTGAGGCTGCCCAGGATGCGGTGCGTGCTTCTGCCCAGCGCATGGGTGACACCCACACTGGCCTGGCGCTGGTCTAT
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   GTGAGGCTGCCCAGGATGCGGTGCGTGCTTCTGCCCAGCGCATGGGTGACACCCACACTGGCCTGGCGCTGGTCTAT
        340       350       360       370       380       390       400       410


              370       380       390       400       410       420       430
QUERY   AAGGAACAGCTGTTTGCTGAAGCATCAGGTGCCCGGCCAGGGGTGCCCAAAGTGCTGGTGTGGGTGACAGATGGCGG
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   AAGGAACAGCTGTTTGCTGAAGCATCAGGTGCCCGGCCAGGGGTGCCCAAAGTGCTGGTGTGGGTGACAGATGGCGG
        420       430       440       450       460       470       480       490


              450       460       470       480       490       500       510
QUERY   CAGCGACCCTGTGGGCCCCCCCATGCAGGAGCTCAAGGACCTGGGCGTCACCGTGTTCATTGTCAGCACCGGCCGAG
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   CAGCGACCCTGTGGGCCCCCCCATGCAGGAGCTCAAGGACCTGGGCGTCACCGTGTTCATTGTCAGCACCGGCCGAG
        500       510       520       530       540       550       560       570


              530       540       550       560    .    570       580       590
QUERY   ACTTCCTGGAGCTGTCAGCCGCTGCCTCAGCCCCTGCCGAGAAGCACCTGCACTTTGTGGACGTGGATGACCTGCAC
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   ACTTCCTGGAGCTGTCAGCCGCTGCCTCAGCCCCTGCCGAGAAGCACCTGCACTTTGTGGACGTGGATGACCTGCAC
        580       590       600       610       620       630       640       650


  . .         610       620       630       640       650       660       670
QUERY   ATTGTCCAAGAGCTGAGGGGCTCCATTCT---CGCGATGCGGCCGCAGCAGCTCCATGCCACGGAGATCACGTCCAG
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :    : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   ATTGTCCAAGAGCTGAGGGGCTCCATTCTCGACGCGATGCGGCCGCAGCAGCTCCATGCCACGGAGATCACGTCCAG
        660       670       680       690       700       710       720       730


        680       690       700       710       720       730       740       750
QUERY   CTTCCGCCTGGCCTGGCCACCCCTGCTGACCGCAGACTCGGGCTACTATGTGCTGGAGCTGGTGCCCAGCGCCCAGC
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   CTTCCGCCTGGCCTGGCCACCCCTGCTGACCGCAGACTCGGGCTACTATGTGCTGGAGCTGGTGCCCAGCGCCCAGC
        740       750       760       770       780       790       800       810


        760       770       780       790       800       810       820       830
QUERY   GGGCTGCAAGACGCCAGCAGCTGCCAGGGAACGCCACGGACTGGATCTGGGCCGGCCTCGACCCGGACACGGACTAC
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
QUERY   GGGCTGCAAGACGCCAGCAGCTGCCAGGGAACGCCACGGACTGGATCTGGGCCGGCCTCGACCCGGACACGGACTAC
        820       830       840       850       860       870       880       890


        840       850       860       870       880       890       900       910
QUERY   GTGGCGCTAGTGCCTGAGTCCAACGTGCGCCTCCTGAGGCCCCAGATCCTGCGGGTGCGCACGCGGCCAGAGGAGGC
               : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :  : :
QUERY   GTGGCGCTAGTGCCTGAGTCCAACGTGCGCCTCCTGAGGCCCCAGATCCTGCGGGTGCGCACGCGGCCCGGTGAGGC
        900       910       920       930       940       950       960       970


        920       930          940       950             960       970          98
QUERY   GCCAGAGCGCATCGTCATC----TCCCACGCCCGGCCG-------CGCAGCCTCCGCGTGAGTTGGGCCCCAG----
               : : :  :  :  : :   : : :          :        : :         : :    : : : : :      : : : : :  : : :    : :         : : : : : : :
QUERY   GCC-GGGGGCTTCGGGCCCGGAGTCGGGGGCTGGGCCGGCCCCCACGCAG-CTCGCCGCCCTCCCCGCCCCAGAGGA
        980       990       1000      1010      1020      1030      1040      1050


          990       1000      1010      1020      1030      1040      1050      1
QUERY   TGGGCTCAGCCGCGGCGCTCGGCTACCACGTGCAGTTCGGGCCGCTGCGGGGCGGG--GAGGCGCAGCGGGTGGAGG
```

```
         ::::      :::     :: ::    ::  ::::: : :   :: :: ::  : : : :  : : : :::: : :::
QUERY  CGGGCCAGAGCGCATCG-TCATCTCCCACG-CCCGGCCGCGCAGCCTCCGCGTGAGTTGGGCCCCAGC-GCTGGGCT
       1060      1070      1080      1090      1100      1110      1120      1130

             1070      1080      1090      1100      1110      1120      1130        1
QUERY  CCGCGGGCCGCAACTGCACCACGCTGCAGGGCCTGGCGCCGGGCACCGCCTACCTGGTGACCGTGACCGCCGCCTTC
       ::::::  : :  ::   ::::::: :::::  : ::: ::  :  ::        :: : :  :  : :  :  :
QUERY  CCGCGGCGCTCGGCT--ACCACG-TGCAGTTCGGGCCGCTGCGGGGCG------GGGAGGCGCAGCGGGTGGAGGTG
       1140      1150      1160      1170            1180      1190      1200

             1150      1160      1170      1180      1190      1200      1210
QUERY  TCGGGCCGCGAGAGCGCGCTGTCCGCCAAGGCCTGCACGCCCG--ACGGCCCGCGCCCGCGCCCACGCCCCGTGCCC
       ::::::::: :  :: :    :  :   ::  ::::::  :::: :  :: ::: : :  : : : ::  : ::   :::
QUERY  GCGGGCCGCAACTGCACCACG--CTGCAGGGCCTG-GCGCCGGGCACCGCCTAC-CTGGTGACCGTGACCGCCGCCT
       1210      1220      1230      1240      1250      1260      1270        1

        1220      1230      1240      1250
QUERY  GCCCCGACCCCGGGGACCGCCAGCCGTGAGCCGTAA
       :: : : ::  : :: :::  :: ::   :::
QUERY  GCTCGGGCCGC-GAGAGCGC--GCTGTCCGCCAAGGCCTGCACGCCCGACGGCCCGCGCCCGCGCCCACGCCCCGTG
       1290      1300      1310      1320      1330      1340      1350
```

```
             1240      1230      1220      1210      1200      1190      1180
QUERY- TCACGGCTGGCGGTCCCCGGGGTCGGGGCGCGGGGCACGGGGCGTGGGCGCGGGCGCGGGC--CGTCG-GGCGTGCA
                                                  ::: : : : ::: : ::: :  :: :: ::::
QUERY  CCAGCAGCTGCCAGGGAACGCCACGGACTGGATCTGGGCCGGCCTCGACCCGGACACGGACTACGACGTGGCGCTAG
          840       850       860       870       880       890       900         9

          1170      1160      1150      1140      1130      1120      1110      1100
QUERY- CTTGGCGGACAGCGCG-CTCTCGCGGCCCCGAGCGGAAGGCGGCGGTCACGGTCACCAGGTAGGCGGTGCCCGGCGC-
       ::  :    :  : ::: ::: : :::::: ::     : :: :  ::::    :: : :::: ::: :: : ::
QUERY  CTGAGTCCAACGTGCGCCTCCTGAGGCCCCAGATCCTGCGGGTGCGCACGCGGCCCGGTGAGGCAGGGCCGGGGGCT
          920       930       940       950       960       970       980         9

          1090      1080      1070      1060      1050      1040      1030      1020
QUERY- GGCCCTGCAGCGTGGTGCAGTTGCGGCCCGCGGGCACCTCCACCCGCTGCGCCTCCCCGCCCCGCAGCGGCCCGAAC
       ::::: : ::   :: :: :  :::::: :  ::: ::   :::  ::  :::::::::::::::  ::  : ::: :
QUERY  GGCCC-GGAGTCGGGGGGCTGGGCCGGCCCCCACGCAGCT-----CGCCGC-CCTCCCCGCCCCAGAGGAGGCCGGGC
           1000      1010      1020           1030      1040      1050      1060

          1010      1000      990       980       970       960       950       940
QUERY- ACGTGGTAGCCGAGCGCCGCGGCTGAGCCCA-GCGCTGGGGCCCAACTCACGCGGAGGCTGCGCGGCCGGGCGTGGG
           : :::::::  :: :     :::: :: : :  :: :: ::::    :  : :: :: : ::  :: :::: ::::
QUERY  ---------CAGAGCGCATCGTCATCTCCCACGCCCGGCCGCGCAGCCTCCGCGTGAGTTGGGCCCCAGCGC-TGGG
                   1070      1080      1090      1100      1110      1120        11

          930       920       910       900       890       880       870        86
QUERY- TGACGATGCGCT---CTGGCCCGGCCTCCTCTGGCCGCGTGCGCACCCGCAGGATCTGGGGCCTCAGGAGGCGCACG
       : ::  ::::::   ::  : ::   :  :  ::  :: ::::::: ::::  : :  :::   : ::  :::::  :: ::
QUERY  AGCCGCGGCGCTCGGCTACCACGTGCAGTTCGGGCCGC-TGCGGGGCGG--GGAGGCGCAGCGGGTGGAGGTGCCCG
          1140      1150      1160      1170      1180      1190      1200
```

```
              850       840       830       820       810       800       790
QUERY- GACTCAGGCACTAGCGCCACGTCGTAGTCCGTGTC-CGGGTCGAGGCCGGCC--CAGATCCAGTCCGTGGCGTTCC-
       :  :  ::     ::: ::  :::::  :  ::  :  ::  :  :  ::  :    :::   ::      ::  :   :  :::   ::  ::::
QUERY  GCCGCA---ACT-GCACCACGCTGCAGGGCCTGGCGCCGGGCACCGCCTACCTGGTGACCGTGACCGCCGCCTTCCG
          1210      1220      1230      1240      1250      1260      1270      1280


              780       770       760       750                 740       730       720
QUERY- TGGCAGCTGCTGGCGTCTTGCAGCCCCCGGCTGGGCGCTGG-------GCACCAGCTCCAGCACATAGTAGCCCGAG
       :::  :: :     ::    :  : :::     : :::    :::  :         ::  ::  ::  ::   :  :      ::   ::::  :
QUERY  GGGCCGCGAGAGCGCGCTGTCCGCCAAGGCCTGCACGCCCGACGGCCCGCGCCCGCGCCCACGCCCCGTGCCCCGCG
            1290      1300      1310      1320         1330      1340      1350      1360


              710       700       690       680       670       660       650       640
QUERY- GCGGTCAGCAGGGGTGGCCAG--GCCAGGCGGAAGCCGCTGGACGTGATCTCCGTGGCATGGAGCTGCTGCGGCCGC
       :  :  :   : :::     :::::   :   ::  ::  ::::::
QUERY  -CCGACCCCGGGGACCGCCAGCCGTGAGCCGTAAGCCGGCGTCCCCGCCCAGCCGAGAGGGCCGGCGCCTACCTGAG
            1370      1380      1390      1400      1410      1420      1430      144
```

```
1254 residues in 1 query    sequences
4426 residues in 1 library sequences
 Tcomplib [34t26] (2 proc)
 start: Thu Sep 28 10:02:00 2006 done: Thu Sep 28 10:02:00 2006
 Total Scan time:  0.010 Total Display time:  0.010

Function used was FASTA [version 3.4t26 July 7, 2006]
```

<u>Search Databases with FASTA</u> | <u>Find Duplications</u> | <u>Hydropathy/Secondary Structure</u>